

Notice on plankton Seminar

02010

9:00-11:30, Jun. 27(Thurs.),2002 at Room #N-406 (4<sup>th</sup> floor)

---

Jarman S.N, N.G.Elliott, S. Nicol and A. McMinn (2000)

Molecular phylogenetics of circumglobal *Euphausia* species (Euphausiacea: crustacea)

Can. J. Fish. Aquat. Sci. 57: 51-58

全球的な *Euphausia* 属に含まれるオキアミ類における分子系統発生

オキアミ類は海洋環境で、最も資源量が豊富な動物群の一つである。現在、*Euphausia* 属に含まれる種の分類は、形態学に基づいて4つの「グループ」に分けられているが、この属内の種の系統関係についての研究は全くなされていない。本研究において、世界の海洋に分布する *Euphausia* 属についてそのミトコンドリアの大サブユニットであるリボソーム DNA (16S DNA) とシトクロムオキシゲナーゼサブユニット I (COI) の塩基配列を決定し、その結果から種間の進化関係を考察した。さらに種間の分岐時間についても推定した。

*Euphausia* 属 8 種 (*E. crystallorophias*, *E. superba*, *E. lucens*, *E. triacantha*, *E. similis*, *E. longirostris*, *E. vallentini*, *E. pacifica*) と他属 2 種 (*M. norvegica*, *N. australis*) を世界中の海域より収集した。70-80%エタノールで保存した標本から DNA を抽出した。ポリメラーゼ連鎖反応により、16Sar と 16Sbr をプライマーとして、16 r DNA の 530 塩基配列 (bp) の増幅を、LCO プライマーと HCO プライマーを用いて、COI の約 720bp 増幅を行った。シーケンス反応産物の結果を、ABI377 自動 DNA 解析シーケンサーでシーケンスを行った。解析ソフトウェア ClustalX により、16S r DNA と COI の塩基配列を解析した。HKY85+ 補正追加モデル下で、最小進化探索法 (Minimum evolution) と、最大節約法 (Maximum parsimony) を用い、系統樹を作成した。分子時計として、16S r DNA 進化速度より、*Euphausia* 属の種が分岐する時間を求めた。共通祖先 (LCR) から分離した遺伝子距離を、全ての種類について推定した。

2つの方法で得られた系統樹から、*E. crystallorophias* - *E. superba*, *E. vallentini* - *E. lucens*, *E. longirostris* - *E. triacantha* のペアで極めて近縁であることが示された。これらのペアは *E. similis* に対しても単系統を形成し、*E. triacantha*, *E. longirostris* と近縁である。2つの分析手法から得られた *Euphausia* 属の系統樹間には若干違いがある。最小進化系統樹は、*E. superba* - *E. crystallorophias* グループと、*E. vallentini* - *E. lucens* グループが単系統となるが、最大節約系統樹においてこれらのグループは側系統となった。オキアミ類の 16S rDNA 塩基配列の変異速度は 100 万年あたり  $0.695 \pm 0.123\%$  と推定され、*Euphausia* 各種間の分岐時間は 100 万年から 1600 万年と計算された。